

1	GCACGAGCCGGCGGGGGTCCGCCAGCGATGGCGGCCGTCGCCGGCGTGGGGGTGC	60
	<u>M G G R R G R W G C</u>	10
61	AGGCTGCTCGCACTGCTGCTACTGGTGCCTGGACCCGGCGGCCCTGAGATCACCTTC	120
11	<u>R L L A L L L L V P G P G G A S E I T F</u>	30
121	GAGCTTCCTGACAACGCCAACGCAAGCAGTGCTCTACGAGGACATCGCTCAGGGCACCAAGTGC	180
31	E L P D N A K Q C F Y E D I A Q G T K C	50
181	ACCTGGAGTTCCAGGTGATTACTGGTGGTCACTATGATGTAGATTGTCGATTAGAAGAT	240
51	T L E F Q V I T G G H Y D V D C R L E D	70
241	CCTGATGGTAAAGTGTATACAAAGAGATGAAGAAACAGTATGATAGTTTACCTTCACA	300
71	P D G K V L Y K E M K K Q Y D S F T F T	90
301	GCCTCCAAAAATGGGACATACAAATTGCTTCAGCAATGAATTTCACACTTCACACAT	360
91	A S K N G T Y K F C F S N E F S T F T H	110
361	AAAATGTATATTTGATTTCAAGTTGGAGAACGCCCCACCTTGTTCCTAGTGAGAAC	420
111	K T V Y F D F Q V G E D P P L F P S E N	130
421	CGAGTCAGTGCTCTTACCCAGGTAAATAAAAATCAGCAATATAATGTTGGTATATT	480
131	R V S A L T Q V N K K I S N I M L V Y L	150
481	AAAGGAGCAAAAAGCATAATTAAATATCATGCACTAAGTGTAGGCAATGGAAATTGAG	540
151	K G G K K H N L I S C T N *	163
541	ACTGACAGTCTTAAAATCTATCTTAATTCTTACATGTAGGCATTCACAGAGAACTTCA	600
601	GACTTTGTAGTAAAAATAATGTTGAAAGATTATGAACTTTAATTGAAAGAGAAA	660
661	GAAGCATTAAAATAAGGAGGAAGATCACTAAGGTAGAAACATCAGTGGTAAAAGAAGGTT	720
721	CGGAAGGCTGACCAAGTGTCCAATCTTCTGAAGCATTTCATTAAATCCCTGAAGGAATGT	780
781	TGCTGTCAACTCAGGAGGCTGGTGTAACTGGAAGCAAATGATGCCCTAAATTAGTAGAT	840
841	AAATAATACCATATCATAGCCTTATACCATTACTTAGTGTACTCAAGCTGCTGTAACA	900
901	GTAACCTGTGATGTAACTTAGGTGAAATATTGAAGATTAATGGTAAGTCATCTCACAAA	960
961	AATAGTTACAAAGCTAAATCAGATTATTTGGAGACATAGAGAAAGCGTAAAAATT	1020
1021	TAAACCCAGTGAACAACTATTGCTTAGGTGATGAGGACTGTTTATTCAGTTCAAATA	1080

Fig. 1A

1081	CAGCAAAATCCAAAATGCTTCAAAATCCAAAACTTTTTTAGCTCCAACCTGATGACAC	1140
1141	AAGTGGAGATTGTTACATCTGATCTCATGACACATCATTGAAAATATCATATACAGTTG	1200
1201	CCTTAAGGCTGCATGTATAAGGCATATATGAAACATAATGAATTCTAGTCTAGACCTG	1260
1261	GGTTCACATCACAAAGATATCTCATTATGTATATGTAGACATTCCAAAATCAGAAAAAATC	1320
1321	TGAAATTCAAAGCACTCTGGTCCAAACATTTGGATAAGGGATACTCAACCTGTATGG	1380
1381	GCTTAGATCGTATCTAAAAGTTACTCAATTAGGCATGAAAAAGAATTATTTACCACTTAT	1440
1441	TCGTTAACATCTTAAACTGGTATTTAGTGTCCCCAGGGTCTATTTAGTCTCTGGCCA	1500
1501	AAGTCATGGTGAAGAACAGCTTAAGAATGTGTAAAAGCCTTAATTCAAAACCTGTT	1560
1561	GTTAGAATTAGCAAGATATATTCAAATACTCTTAATTTAGAAATGTTCTCTTATTTA	1620
1621	AGGTCTTGTGAAGGACCCCTTGCTTGTAAAAATGATATTCTTGGGCCATTACCTT	1680
1681	AACCTGTATCCATTCTTCATGAATTAACTTGTATAAGGTGGCTGTTCTAAAAACCT	1740
1741	AAGTGGTAAATATAAGAAATGAATGGTAATAACCAGTTAGTATCATAAAAAAAAAAA	1800
1801	AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 1836	

Fig. 1B

1	GCACAGCCCCGGCGGGGTCGCAGCAGCATGGCGCCGTGCGGGCTTGGGGTGAGG	60
1	<u>M G G R R G P W G C R</u>	11
61	CTGCTCGCACTGCTGCTACTGGTGCCTGGACCCGGCGCCTCTGAGATCACCTTCGAG	120
12	<u>L L A L L L L V P G P G G A S E I T F E</u>	31
121	CTTCCTGACAACGCCAAGCAGTGCTTCTACGAGGACATCGCTCAGGGACCAAGTCACC	180
32	L P D N A K Q C F Y E D I A Q G T K C T	51
181	CTGGAGTTCCAGGTGATTACTGGTGGTCACTATGATGTAGATTGTCGATTAGAACATCCT	240
52	L E F Q V I T G G H Y D V D C R L E D P	71
241	GATGGTAAAGTGTATACAAAGAGATGAAGAACAGTATGATAGTTTACCTTCACAGCC	300
72	D G K V L Y K E M K K Q Y D S F T F T A	91
301	TCCAAAATGGGACATAAAATTGCTTCAGCAATGAATTCTACTTTACACATAAA	360
92	S K N G T Y K F C F S N E F S T F T H K	111
361	ACTGTATATTGATTTCAAGTTGGAGAACCCACCTTGTGTTCTAGTGAGAACCGA	420
112	T V Y F D F Q V G E D P P L F P S E N R	131
421	GTCAGTGCTCTTACCCAGATGGAATCTGCCTGTGTTCAATTCAAGAACGCTCTGAAGTCT	480
132	V S A L T Q M E S A C V S I H E A L K S	151
481	GTCATCGATTATCAGACTCATTTCCGTTAACAGAACGCTCAAGGCCGAAGCCGAGCAGAG	540
152	V I D Y Q T H F R L R E A Q G R S R A E	171
541	GATCTAAATACAAGAGTGCCTATTGGTCAGTAGGAGAACCCCTCATCTCTGGGGTT	600
172	D L N T R V A Y W S V G E A L I L L V V	191
601	AGCATAGGCAGGTATTTCTTTGAAAAGCTTTCTCAGATAAAAGAACCCACAACT	660
192	S I G Q V F L L K S F F S D K R T T T T	211
661	CGTGTGGATCATAACTACGTTTGAGAATTGATGCACCATTGCCACTGTAATATTGCTG	720
212	R V G S *	215
721	TCCTCTAATTAAATTAGGTACTGAAGAACCTAAATATTGCAACATTAAATCCCTAC	780
781	TCATACACTTGGGAGGGATGTACAATGCATATTCCAAACTGTGGAAAGGACACCTT	840
841	TTTTTATTGAAAGGTGGAAAAACTTGGAACTCATTTGGCTATTGATGTTAAATAT	900
901	TCAACACCAATGATCTACTCTGTTCGCAGTTGTTATATCTACTCTCGCACACTAACT	960
961	TTGGTATTGATTCCTTTAACCATTTAACGACTACTTTCTTATAGGTAGTTGATATT	1020

Fig. 2A

1021	TAAAAAACTTAGATTTAATGTCTACATGTGTTAGGGAGGAAGAAAATTGCCTTTAATTG	1080
1081	TTAATAAGAAAACCAAATGTGATGAACTGTAGCCCAAGCCCTATTCTGCACTGTTCAGTT	1140
1141	TTATGGAGGAAAAATAAATCTACCATAGGAATGTTAGTTAATATTGATATATCATGGTAA	1200
1201	AATTGATTTCTCACTAGCTTAGAAAATGTCAGACTTTGTTGGGTTTATAATTAA	1260
1261	ACCAGCTATGCTATTTTCATAAAGGCATTGTAGTACACAGAAAAACAGTAGTTTCAG	1320
1321	TAGTGAAAAGAGTTTACAGGCCCTAAATATCAGACTTTGTAACAGGTAGAAATATTA	1380
1381	CAGAAATAATTAAAGACACTACAATGGGGCAAATGAAATAGGAAATTITAGTGAGTT	1440
1441	ACACGTACTCATTACATTTCAGTGCTTTACAAGGAAAAAGGTGATATGTTAATT	1500
1501	AAAATTAAATTGGGCTAGCTCTGCCMTATATGACTTTAATGCTGTGAGTCATTCCC	1560
1561	AGCTTAAATTAAACAATTGTTAGTATT	1585

Fig. 2B

HETDW91 x HuT1ST2RBP

9 GCRLLALLLVP..GPGGA.....SEITFELPDNAKQCFYEDIAQGTK 49
.: . |||:||:| :||| :||| ||.. |||||. :....
6 AALALALWLLMPPVEVGGAGPPPQDGEFTFLLPAGRKQCFYQSAPANAS 55
50 CTLEFQVITGGHYDVDCRLEDPDGKVLYKEMKKQYDSFTFTASKNGTYKF 99
. |:|||. .: .||| |. .:| :| .| :| .: | .: .| .:|:
56 LETEYQVIGGAGLDVDFTLESPQGVILLVSESRKADGVHTVEPTEAGDYKL 105
100 CFSNEFSTFTHKTVYFDF...QVGEDPLFPSENRVSAQTQVNKKISNI. 145
||. .| .:| .:| .:| .:| .:| .:| .:| .:| .:| .:| .:| .:|
106 CFDNSFSTISEKLVFFELIFDSLQDDEEVGWAEEAVEPEEMLDVKMEDIK 155
146MLVYLKG..GKKHNLISCT 162
||...| .:| .:| .:| .:| ...
156 ESIETMRTRLERSIQMLTLLRAFEARDRNLQEGN 189

Fig. 3A

HE8CV92 x HuT1ST2RBP

4 RRGPGWGCRLALLLVP..GPGGA.....SEITFELPDNAKQCFYEDI 44
...: .. ||::||:| :||| :||| |.. ||||:.
1 MMAAGAALALALWLLMPPVEVGAGPPPQIDGEFTFLLPAGRKQCFYQSA 50

45 AQGTKCTLEFQVITGGHYDVCRLEDPDGKVLYKEMKKQYDSFTFTASKN 94
:.... . |:|||. .: .||| |..:| :| . :| .: .| .. .
51 PANASLETYEQVIGGAGLVDFTLESPOGVLLVSESRKADGVHTVEPTEA 100

95 GTYKFCFSNEFSTFTHKTVYFDQVGEDPPLFPENRVSALTQMESACVS 144
|.|.:|||. .|.|. .:| :|||: . . .| . .:| .| .| .
101 GDYKLCFDNSFSTISEKLVFFELIFDSLQDDEEVEGWAEAVEPEEMLDVK 150

145 IHEALKSV.....IDYQTHFRLREAQGRSRAEDLNTRVAYWSVGE 184
:: .:| .:| .:| .:| .:| .:| .:| .:| .:| .:| .:| .:
151 MEDIKESIETMRTRLERSIQMLTLLRAFEARDRNLQEGNLERVNFWSAVN 200

185 ALILLVVSIICOVFLLKSFSDKRTTTT 211
. .:||:|. .:| .| .||| .||| .| .
201 VAVLLLVAVLQVCTLKRFFQDKRPVPT 227

Fig. 3B

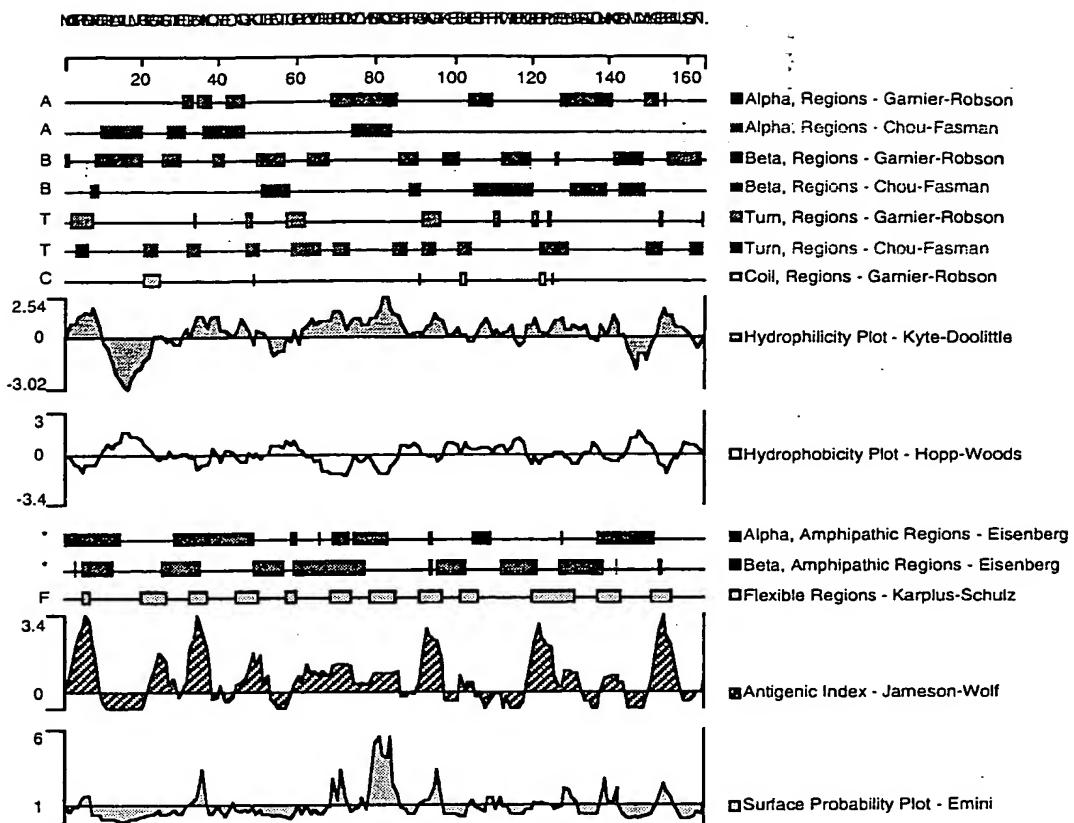


Fig. 4A

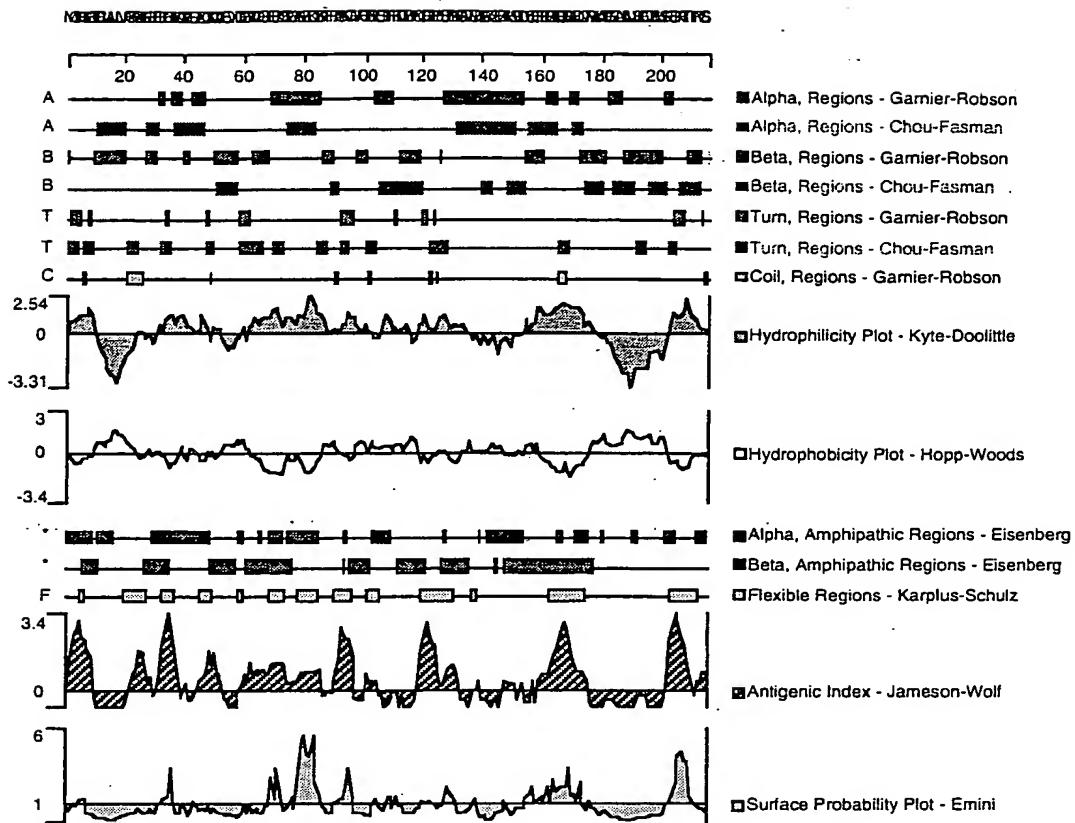


Fig. 4B

**Human T1-receptor ligand amino acid (GenBank accession number:
U41804; SEQ ID NO:5)**

MMAAGAALALALWLLMPPVEVGGAGPPPIQDGEFTFLLPAGRKQCFYQSAPA
NASLETEYQVIGGAGLDVDFLESPOGVLLVSESRKADGVHTVEPTEAGDYKLC
FDNSFSTISEKLVFFELIFDSLQDDEEVEGWAEAVEPEEMLDVKMEDIKESIETM
RTRLERSIQMLTLLRAFEARDRNLQEGNLERVNFWSAVNVAVLLVAVLQVCT
LKRFQDKRPVPT

HETDW91R (SEQ ID NO:6)

GGCANAGCCNGGCCGGGGTCCGGCAGCTGGCGGCCGTCGCAGGGCCTGT
GGGGNTGCAGGCTGCTCGCACTGCTGCNACTGGTGCCTGGACCCGGCGGC
GTCTTCTAAANATACCTTCGAGGGCTCCTGGACAACGNCAAGCAGTGCTTCT
NACGAGGACATCGCTCAGGGCACCAAGTGCACCCCTGGGAGTTCCAGTGATT
ACTGGTGGTCACTGATNATGTAGATTGTCGATTAGAAGATCTGATGGTAAA
GTGTTATAACAAAGAGATTNNAGTAACAGTNTGGTAATTTTACCTTNNACAG
NCTTCCAAAAAGGGGGACATN

HSRDN17R (SEQ ID NO:7)

NACACATAAAACTGTATATTTGATTTNAAGTTGGAGAACCCACCTTN
TTTCTCTAGTGAGAACCGAGTNAGTGCTCTACCCAGATGGAATGCCCTGTGT
TTCAATTACGAGGCTCTGA

HASAA31R (SEQ ID NO:8)

TTCTTTGAAAAGCTTTCTCAGATAAAAGAACCAACCACAACCGTGTGG
ATCATAACTACGTTTGAGAATTGATGCACCATTGCCACTGTAATATTGCTGT
CCTCTAATTAAATTAGGTACTGAAGAACTTAATATTGGCAACATTTAAAT
CCTTAACCTACACTTGTGGAGGGATGTACAATGCATATTCCAAACTGT
GGAAAGGACACCTTTTATTGTAAAGGTGGNAAAACTTGGAACTCATT
TTGGGCTATTCATGTTAAATATTCAACACCAATGATCTACTCTGTCGAGTT
TTTATATCTACTCTCGGACACTAAACTNGTATTTGGNTCCNTAACCT
TT

HPFCQ85R (SEQ ID NO:9)

AATTCGGCACGAGGTGATATGTTAACATTAACTTAAATTGGCTAGCTCTT
GCCCTTATATGACTTAATGTCGTGAGTCATTCCCAGCTAAATTACAATT
GTTAGTATTAGTCTCACACATAAGTGCACATATTATCCTCATGGATGTGA
TGCACTGAAAGTTAGTTGCTCTCTTTCTTTTTGTGCGTGCATATT
ATTCTGTAGTTCTGGTTAGCTACCCCTAAAGTGAATTAAAAATTAGAATGC
TTTGTGTTCTATTGGTAATCTCATTGACTTTCTTAGTTAATGAGTATT
AAATGGTGCATATCCTGTAGACTATAGGGNTTACAATGNGTTGCACCTATA
ACTTGGATTAGATNGGNGATTGNAATAGGTTGGTCCCAGNTTATCCGTT
GGATCCAAGTGGTCCAAATTGGNTTAAGGCTCCGGTTNTTTT
TTANNGCACCGTTTNCCGGNCCTNCCCCCAA